

海藻多糖结构特征及其肠道发酵潜力研究

谢雨薇

临沂大学, 山东 临沂 276000

[摘要] 海藻多糖具有单糖组成复杂、分子质量跨度大、硫酸基及糖醛酸含量较高等结构特征, 是具有开发潜力的海洋膳食纤维。研究表明, 其在上消化道中不易被完全降解, 进入结肠后可被肠道菌群利用, 并促进短链脂肪酸生成。特定羊栖菜多糖体外发酵 24 小时后的糖利用率为 53.17%, 总短链脂肪酸达到 115.75 毫摩尔每升。海藻多糖的发酵效率受分子质量、支化程度、取代基和个体菌群差异影响, 相关健康效应仍需规范的人体试验验证。

[关键词] 海藻多糖; 结构特征; 肠道发酵; 短链脂肪酸

DOI: 10.64635/ja.2026.1570

中图分类号: TS201.2

文献标识码: A

Study on the Structural Characteristics and Gut Fermentation Potential of Seaweed Polysaccharides

Xie Yuwei

Linyi University, Linyi, Shandong 276000, China

Abstract: Seaweed polysaccharides are characterized by complex monosaccharide compositions, a wide range of molecular weights, and relatively high contents of sulfate groups and uronic acids, making them promising sources of marine dietary fiber. Studies have shown that these polysaccharides are not readily degraded completely in the upper gastrointestinal tract and can be utilized by the gut microbiota after reaching the colon, thereby promoting the production of short-chain fatty acids. After 24 h of in vitro fermentation, a specific Sargassum fusiforme polysaccharide exhibited a carbohydrate utilization rate of 53.17%, while total short-chain fatty acid concentration reached 115.75 mmol/L. The fermentation efficiency of seaweed polysaccharides is influenced by molecular weight, degree of branching, substituent groups, and interindividual differences in gut microbiota. Their associated health effects still require validation through standardized human studies.

Keywords: seaweed polysaccharides; structural characteristics; gut fermentation; short-chain fatty acids

引言

海藻资源具有生长周期较短、不占用耕地和活性成分丰富等特点。多糖既是海藻细胞壁的重要组成部分, 也是维持渗透压、储存能量和适应海洋环境的关键物质。公开资料显示, 海藻多糖含量可超过藻体干重的 50%, 部分红藻多糖含量约为干重的 38% 至 74%^[1]。海藻酸盐、岩藻多糖、海带多糖、石莼多糖、琼脂和卡拉胶等已广泛应用于食品加工, 但其营养作用并不只表现为增稠和凝胶形成, 还可能通过肠道菌群发酵产生生理效应。

海藻多糖组成复杂, 不同藻种、海域、季节及加工方法均会引起结构差异, 同一名称的多糖并不一定具有相同的发酵特征。目前相关研究以体外发酵和动物试验为主, 人体证据相对不足。因而, 有必要从结构组成、消化稳定性、菌群利用和评价方法等方面分析其肠道发酵潜力, 为海藻膳食纤维及益生元产品开发提供依据。

1 海藻多糖的结构基础

1.1 来源差异与骨架组成

海藻多糖可按来源分为褐藻多糖、红藻多糖和绿藻多糖。褐藻中的代表性成分包括海藻酸盐、岩藻多糖和海带多糖。海藻酸盐主要由甘露糖醛酸和古洛糖醛酸构成, 两类糖醛酸的排列比例决定其黏度、凝胶强度和离子结合能力。岩藻多糖以岩藻糖为主要单糖, 并含有较多硫酸基, 同时可伴有半乳糖、甘露糖、葡萄糖和糖醛酸。海带多糖则以葡萄糖为主, 结构相对规则, 通常作为褐藻的储能多糖。

红藻多糖以琼脂和卡拉胶较为典型。二者均以半乳糖类残基构成基本骨架, 但硫酸基数量、连接位置和脱水半乳糖含量不同, 因此表现出不同的溶解性和凝胶特性。卡拉胶通常属于分子质量较高的硫酸化多糖, 其硫酸基含量约为 15% 至 40%^[1]。绿藻中的石莼多糖主要由鼠李糖、木糖、葡萄糖醛酸和艾杜糖醛酸组成, 同样具有明显的硫酸化特征。

这些组成差异决定了肠道微生物能否识别并利用多糖。具有相应糖苷酶和硫酸酯酶的菌群可先切除侧链或取代基,再逐步降解主链;缺少相关酶系时,多糖的利用速度会明显降低。因此,海藻多糖的发酵具有底物选择性,不能仅依据“总多糖含量”判断其营养价值。

1.2 分子质量、取代基及空间构象

分子质量是影响多糖溶解、扩散和微生物利用的重要参数。海带多糖的分子质量通常约为 5.7 至 6.2 千道尔顿,而天然岩藻多糖可处于 10 至 2000 千道尔顿的较宽范围^[1]。较小的多糖片段通常具有更好的水溶性和扩散能力,更容易与微生物酶接触;但分子质量并非越低越好。过度降解可能破坏必要的支链结构和硫酸基,也可能使多糖在到达结肠前被部分吸收或转化。

体外研究显示,分子质量低于 30 千道尔顿的部分海藻硫酸化多糖更易促进乳酸形成,而分子质量较高的组分可能更有利于丁酸生成^[2]。这说明分子质量不仅影响发酵速度,也可能改变代谢产物构成。其原因在于不同肠道菌群对底物聚合度的偏好不同,初级降解菌产生的小分子还可被其他菌群继续利用,形成交叉营养关系。

硫酸基和糖醛酸使多糖带有较强负电荷,可提高水合能力,并影响多糖与蛋白质、矿物质及微生物表面的结合。适度硫酸化可能有利于维持多糖溶解状态,但硫酸基位置复杂或支化程度过高也会造成空间阻碍,降低酶对主链的可及性。由此可见,海藻多糖的发酵行为是单糖组成、分子质量、支化程度、取代基和空间构象共同作用的结果,不能用单一结构指标解释。

2 海藻多糖的消化稳定性与结构变化

2.1 上消化道环境中的稳定性

人体消化系统缺少专门分解多数海藻多糖的酶,因此部分海藻多糖可抵抗口腔、胃和小肠阶段的消化,较完整地进入结肠。不过,“抗消化”不等于结构完全不变。胃内酸性环境可能使部分糖苷键发生缓慢水解,小肠中的离子、胆盐和酶蛋白也可能改变多糖的聚集状态。分子质量下降、黏度降低或侧链脱落,均会影响后续发酵速度。

海藻酸盐在酸性条件下可能形成致密结构,限制消化液进一步渗入;进入中性环境后,其溶胀和溶解状态又会发生变化。岩藻多糖及石莼多糖中的硫酸基可提高亲水性,但对消化稳定性的影响与取代位置和

分子大小有关。已有研究认为,褐藻多糖可通过改变短链脂肪酸形成和菌群组成参与肠道微生态调节,但不同研究所用原料和模拟消化条件差异较大,结果不能简单横向比较^[3]。

2.2 提取和降解处理对结构的影响

热水提取工艺简便,但长时间高温可能造成多糖链断裂。酸提取可以提高部分细胞壁多糖的释放率,却可能引起糖苷键水解和硫酸基脱落;碱处理有利于去除蛋白质和色素,但强碱条件可能改变糖醛酸及部分取代基。超声、微波和酶辅助提取能够缩短处理时间,却仍需控制功率、温度和作用时间。

同一种海藻采用不同工艺时,提取率和组成可出现明显差异。例如,墨角藻经食品级绿色溶剂提取所得海带多糖含量为 35.57%,酸提取样品为 25.38%;泡叶藻则表现出相反趋势,酸提取样品为 31.04%,绿色溶剂提取样品为 25.11%^[1]。该数据说明提取工艺与藻种之间存在交互作用,不能将某一种方法普遍认定为最佳方法。

适度酶解可降低分子质量、改善溶解度并增加链端数量,从而提高菌群利用效率。然而,若降解程度过大,最终产物可能接近普通低聚糖,难以保留海藻多糖的结构优势。因此,加工目标不应只是提高提取率,还应同时关注分子质量分布、硫酸基保留率和体外发酵特征。

2.3 结构表征及质量评价

海藻多糖研究首先应明确总糖、蛋白质、糖醛酸、硫酸基和灰分含量,并测定单糖组成及分子质量分布。在此基础上,可通过红外光谱判断主要官能团,利用色谱技术分析分子质量,结合核磁共振等方法确定糖苷键连接方式。只报告总糖含量而缺少分子质量和单糖组成,难以建立可靠的结构与功能联系。

用于肠道发酵评价时,还应测定发酵前后的多糖消耗率、培养液酸度、乙酸、丙酸和丁酸含量,并分析菌群组成及代谢通路变化。实验需设置空白对照和已知可发酵膳食纤维对照,同时记录粪菌供体数量、健康状况及近期抗菌药物使用情况。由于不同个体菌群对同一多糖的降解能力可能不同,采用单一供体容易高估或低估其普遍作用。

3 海藻多糖的肠道发酵潜力

3.1 菌群利用、代谢产物与结构效应

进入结肠的海藻多糖可被部分肠道微生物降解为低聚糖和单糖,随后通过糖酵解及相关代谢途径形成乙酸、丙酸、丁酸和乳酸。乙酸通常产量较高,可被

外周组织利用；丙酸主要经门静脉进入肝脏；丁酸是结肠上皮细胞的重要能量来源。多糖发酵还会降低局部酸度，从而改变微生物之间的竞争关系。不过，短链脂肪酸增加只说明底物具有可发酵性，不能直接等同于人体疾病改善。

一项人粪菌体外发酵研究使用 0.8 克、分子质量低于 30 千道尔顿的海带硫酸化多糖。经过 48 小时发酵，培养体系酸度指标由 6.5 下降至 5.1，乙酸、丁酸和乳酸均显著增加，乳酸杆菌和双歧杆菌数量也高于对照组^[4]。该结果表明，小分子海藻硫酸化多糖能够被人源肠道菌群利用，但实验采用封闭式体外体系，不能据此确定人体摄入后的有效剂量。

羊栖菜多糖的体外研究提供了更完整的结构和发酵数据。该样品总糖、蛋白质、糖醛酸和硫酸基含量分别为 83.25%、1.42%、12.80% 和 7.81%，主要单糖为岩藻糖、葡萄糖和半乳糖，分子质量为 255.83 千道尔顿。经人粪菌发酵 24 小时后，多糖利用率为 53.17%，总短链脂肪酸达到 115.75 毫摩尔每升，较发酵前增加 10.77 倍^[5]。

同一研究中，双歧杆菌相对丰度较空白发酵组增加 139.13%，乳酸杆菌增加 400%。与此同时，部分菌属相对丰度下降，说明海藻多糖引起的并非所有细菌同步增殖，而是菌群结构重新分配^[5]。相对丰度还会受到其他菌群减少的影响，因而应结合细菌绝对数量和代谢物变化进行判断。

综合现有证据，结构较为开放、溶解性较好且分子质量适中的多糖通常具有较高的早期发酵速率；分子质量较大、支化复杂的组分降解较慢，却可能将发酵过程延伸至结肠远端。较快发酵有利于短期形成代谢产物，但也可能增加产气；缓慢发酵可降低底物在近端结肠被迅速耗尽的可能。理想的海藻多糖产品不应单纯追求最大产酸量，而应兼顾发酵部位、代谢物比例和胃肠耐受性。

4 功能食品应用与研究方向

4.1 产品开发及质量控制

海藻多糖可用于开发膳食纤维粉、固体饮料、发酵乳及复合益生元产品。产品设计应根据目标功能选择结构类型：强调快速发酵时，可采用适度降解、溶解性较好的组分；强调结肠远端持续利用时，则可保留一定分子质量和支化程度。多糖还可与传统膳食纤维复配，通过不同发酵速率降低单一底物造成的代谢偏向。

质量控制需从原料端开始。海藻品种、采收海域、

季节和成熟度均应记录，并对碘、无机砷及其他重金属进行检测。提取物应明确纯度、分子质量分布、硫酸基和糖醛酸含量，避免以粗提物结果代替纯多糖作用。若产品黏度较高，还应开展摄入量与胃肠耐受性评价。只有在成分明确、安全指标合格且作用具有重复性的情况下，才能进一步讨论益生元声称。

4.2 证据局限与研究路径优化

当前海藻多糖研究仍存在三个突出问题。第一，样品命名不统一，同名多糖的分子质量和取代基差异较大，使研究结果难以重复。第二，多数发酵试验供体数量有限，培养时间、底物浓度和对照设置不一致。第三，体外研究能够解释菌群利用和代谢趋势，却不能模拟人体肠道的吸收、蠕动、免疫反应及长期饮食影响。

后续研究应建立“原料信息—结构指纹—模拟消化—多供体发酵—动物验证—人体试验”的连续证据链。体外阶段宜采用多名供体并同时报告绝对菌量、短链脂肪酸、支链脂肪酸和产气情况；人体研究应设置随机对照，记录基础膳食及胃肠症状，并考察不同菌群类型人群的响应差异。研究重点应由“是否改变菌群”转向“何种结构在何种人群中产生何种可重复的代谢效应”。

5 结语

海藻多糖具有来源多样、单糖组成复杂、分子质量跨度大和硫酸化程度较高等特点，其肠道发酵潜力取决于主链结构、支化程度、取代基、溶解性及加工过程。现有体外数据表明，部分海带和羊栖菜多糖能够被人源肠道菌群利用，促进短链脂肪酸生成，并改变双歧杆菌、乳酸杆菌等菌群的相对丰度。然而，这些结果主要反映体外可发酵性，尚不能直接作为人体健康功效的结论。未来应加强样品标准化、结构指纹分析、多供体发酵和人体干预研究，形成可验证的结构—菌群—代谢物—健康效应关系，为海藻多糖的精准开发和合理利用提供依据。

【参考文献】

- [1] 李银姝, 林茜, 龚乃霞, 等. 海藻多糖结构、生物活性和提取技术研究进展 [J]. 化学试剂, 2025, 47 (5): 56-65.
- [2] 张宵, 刘杨, 滕博, 等. 基于肠道菌群的海藻多糖对部分疾病影响的研究进展 [J]. 食品工业科技, 2021, 42 (18): 421-426.
- [3] 章瑾, 王尚志, 杨明睿, 等. 褐藻多糖调控肠道微生物作用机制研究进展 [J]. 大连海洋大学学报

- 报, 2024, 39 (2) : 349-359.
- [4] Kong Q, Dong S, Gao J, et al. In vitro fermentation of sulfated polysaccharides from *E. prolifera* and *L. japonica* by human fecal microbiota[J]. International Journal of Biological Macromolecules, 2016, 91: 867-871.
- [5] Kong Q, Zhang R, You L, et al. In vitro fermentation characteristics of polysaccharide from *Sargassum fusiforme* and its modulation effects on gut microbiota[J]. Food and Chemical Toxicology, 2021, 151: 112145.